जीवन के इतिहास को पुनर्निर्मित करना - एक आनुवांशिक दृष्टिकोण

कृष्णप्रिया तम्मा

संसार में 7 अरब लोग, 100 खरब से भी अधिक चीटियाँ और एक अरब से भी अधिक मधुमक्खियाँ हैं। यह समस्त विविधता कहाँ से आई? हम कैसे विकसित हुए - मनुष्य की कहानी क्या है? इस लेख में लेखिका ने उन तरीकों में से कुछ की छानबीन की है जिनसे हमने इन सवालों के उत्तर देने का प्रयास किया है।

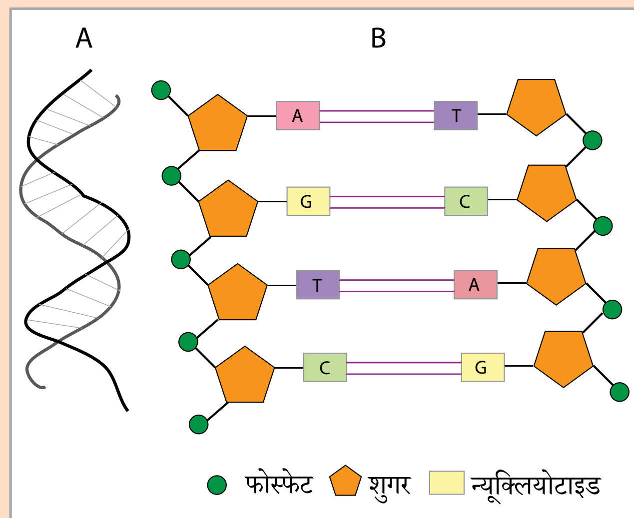
मनुष्य सदा से ही पृथ्वी पर जीवन के मूल स्रोतों के बारे में जानने के लिए उत्सुक रहे हैं। मनुष्य के इतिहास के लम्बे दौर में इसके अनेक सिद्धान्त और व्याख्याएँ प्रस्तुत की गई हैं। जब डारविन और वालेस ने प्राकृतिक चुनाव के द्वारा विकास का सिद्धान्त सबसे पहले प्रस्तुत किया, तो उसके परिणामस्वरूप बहुत विवाद हुआ। परन्तु, आज इस सिद्धान्त के पक्ष में निर्विवादित प्रमाण हैं। डारविन के अनुसार, विकास की प्रक्रिया 'संशोधन के साथ अवतरण (डिसेंट विद मोडिफिकेशन)' के माध्यम से आगे बढ़ी, जो सरल शब्दों में प्रवृत्तियों को माता-पिता से सन्तानों को हस्तान्तरित किए जाने को दर्शाती है, परन्तु यह प्रक्रिया थोड़े त्रुटिपूर्ण ढंग से होती है। हालाँकि सन्तानें बहुत हद तक अपने माता-पिता से मिलती-जुलती हैं, पर वे उनसे कुछ भिन्नताएँ भी दर्शा सकती हैं। समय बीतने के साथ, इन भिन्नताओं को चुना जा सकता है और उसका परिणाम ऐसा विचलन हो सकता है जो एक नई प्रजाति के निर्मित होने के लिए पर्याप्त रूप से शक्तिशाली हो। यह नई प्रजाति अभी भी पुरानी से सम्बन्धित रहती है, क्योंकि यह उसी से निकली होती है। जैसे मेरे चचेरे या ममेरे भाई-बहिनों (कजिन) का दादा या नाना के रूप में एक साझा पूर्वज होता है, उसी तरह प्रजातियों के भी दूसरी प्रजातियों के साथ साझा पूर्वज होते हैं। यदि हम समय में पर्याप्त रूप से पीछे जाएँ (लगभग 3.8 अरब वर्ष पहले), तो हम वास्तव में पृथ्वी पर समस्त जीवन के आदि पूर्वज का पता लगा सकते हैं। इसलिए, हम प्रजातियों के बीच में सम्बन्धों को सावधानी पूर्वक फिर से निर्मित करने के द्वारा पृथ्वी पर जीवन के इतिहास को पुनर्निर्मित कर सकते हैं।

फाइलोजेनिटिक्स जीवविज्ञान का वह क्षेत्र है जो विभिन्न प्रजातियों के बीच के सम्बन्धों को पुनर्निर्मित करने और वंशावलियों के विकासात्मक इतिहास को पुनर्निर्मित करने पर केन्द्रित है। आकृतिविज्ञान सम्बन्धी (morphological) या आनुवांशिकी सम्बन्धी जानकारियों का इस्तेमाल करते हुए ऐसे प्रजातियों के आनुवांशिकी वृक्ष (phylogenetic trees) या फाइलोजीनीज (**चित्र 1** को देखें)

को पुनर्निर्मित किया जा सकता है। लेकिन, आनुवांशिकी विज्ञान के क्षेत्र में हुई प्रगतियों की बदौलत, आनुवांशिकी सम्बन्धी जानकारियों या डी.एन.ए आधारित जानकारी ने हमें सम्बन्धों, यहाँ तक कि बहुत घनिष्ठ रूप से जुड़ी हुई और आकृतिविज्ञान की दृष्टि से बहुत मिलती-जुलती प्रजातियों के बीच में सम्बन्धों, को पुनर्निर्मित करने की और भी अधिक शक्ति प्रदान की है।

यह कैसे किया जाता है? हम किन्ही भी दो जीवरूपों के वंशाणुओं के समूह में न्यूक्लियोटाइड्स के क्रम की तुलना करके (वे वंशाणु के समूह जिन दो प्रजातियों के हैं) उन दोनों प्रजातियों के अन्दर और उनके बीच में हुए आनुवांशिक परिवर्तन की गणना कर सकते हैं। यह परिवर्तन उनके बीच की आनुवांशिक दूरी के रूप में नापा जाता है, और यह उन बेसेस की संख्या (ए, टी, जी तथा सी) को निरूपित करता है जो उन दो जीवरूपों या प्रजातियों में समान (और असमान) हैं। विशेष कम्प्यूटर प्रोग्रामों के माध्यम से, इन आनुवांशिक दूरियों को सम्बन्धों का एक फाइलोजेनेटिक ट्री निर्मित करने के लिए इस्तेमाल किया जा सकता है। सामान्य रूप से, दो टैक्सा (विशेष सम्बन्ध रखने वाले जीव समूह) के बीच की आनुवांशिक दूरी उनके बीच के सम्बन्ध के स्तर (डिग्री) से विपरीत अनुपात में होती है। इस तरह, घनिष्ठ रूप से सम्बन्धित टैक्सा के बीच की आनुवांशिक दूरी का मान कम होता है और

किसी जीवरूप के **वंशाणुओं का समूह (जीनोम)** उसके डी.एन.ए. का सम्पूर्ण समूह होता है। किसी जीवरूप के पूरे वंशाणुओं के समूह - जो मनुष्यों में डी.एन.ए. के तीन अरब आधार यौगिक जोड़ों (बेस पेयर्स) का होता है - की एक प्रतिलिपि उसके प्रत्येक कोशाणु (सैल) में पाई जाती है। वंशाणुओं के समूह की प्रत्येक प्रतिलिपि में उस पूरे जीवरूप को निर्मित करने और बनाए रखने के लिए जरूरी समस्त जानकारियाँ निहित रहती हैं।



चित्र 1 : डी.एन.ए की संरचना।

डी.एन.ए, अर्थात जीवन का आधार-नक्शा (ब्लूप्रिंट), दो लड़ियों वाला (डबल स्ट्रेंडेड) होता है। डिऑक्सीरिबोन्यूकलिक एसिड एक ऐसा अणु है जो सभी ज्ञात सजीव प्राणियों तथा अनेक वायरसों की वृद्धि, विकास, कार्य करने और पुनुरुत्पादन या प्रजनन के लिए आवश्यक आनुवांशिक निर्देशों का वाहक होता है। अधिकांश डी.एन.ए. अणु दो असमानान्तर बायोपोलीमर लड़ियों (स्ट्रेंड्स) से मिलकर बने होते हैं जो एक-दूसरे पर इस तरह से लिपटी रहती हैं कि वे एक दोहरी कुण्डली (डबल हीलिक्स) बनाती हैं। डी.एन.ए की दोनों लड़ियों में से प्रत्येक एक पोलीन्यूक्लियोटाइड, या न्यूक्लियोटाइडों का एक पोलीमर होती है, काफी कुछ वैसे ही जैसे प्रोटीन अमीनो अम्लों के पोलीमर होते हैं। प्रत्येक न्यूक्लियोटाइड एक फोस्फेट समूह, डिऑक्सीरिबोज कहलाने वाली एक शुगर, तथा नाइट्रोजन रखने वाले चार न्यूक्लियोबेसेस - साइटोसिन (सी), गुआनिन (जी), एडिनाइन (ए) , या थाइमिन (टी) - में से एक से मिलकर बनता है। किसी डी.एन.ए अणु के भीतर ये जिस क्रम में प्रकट होते हैं वही प्रोटीनों में अमीनो अम्लों के क्रम को निर्धारित करता है। **बेस पेयर्स** निर्मित करने के लिए एक लड़ी के न्यूक्लियोबेसेस दूसरी लड़ी की तदनुरूप स्थितियों पर मौजूद बेसेस के साथ जोड़े बनाते हैं।

किसी डी.एन.ए में एक **बेस पेयर** दो प्रकार का होता है : ए-टी या सी-जी। किसी **बेस पेयर** में मौजूद न्यूक्लियोटाइड एक-दूसरे के पूरक होते हैं जिसका मतलब है कि उनकी आकृति उन्हें हाइड्रोजन बन्धों के साथ बन्ध बनाने की सुविधा देती है।

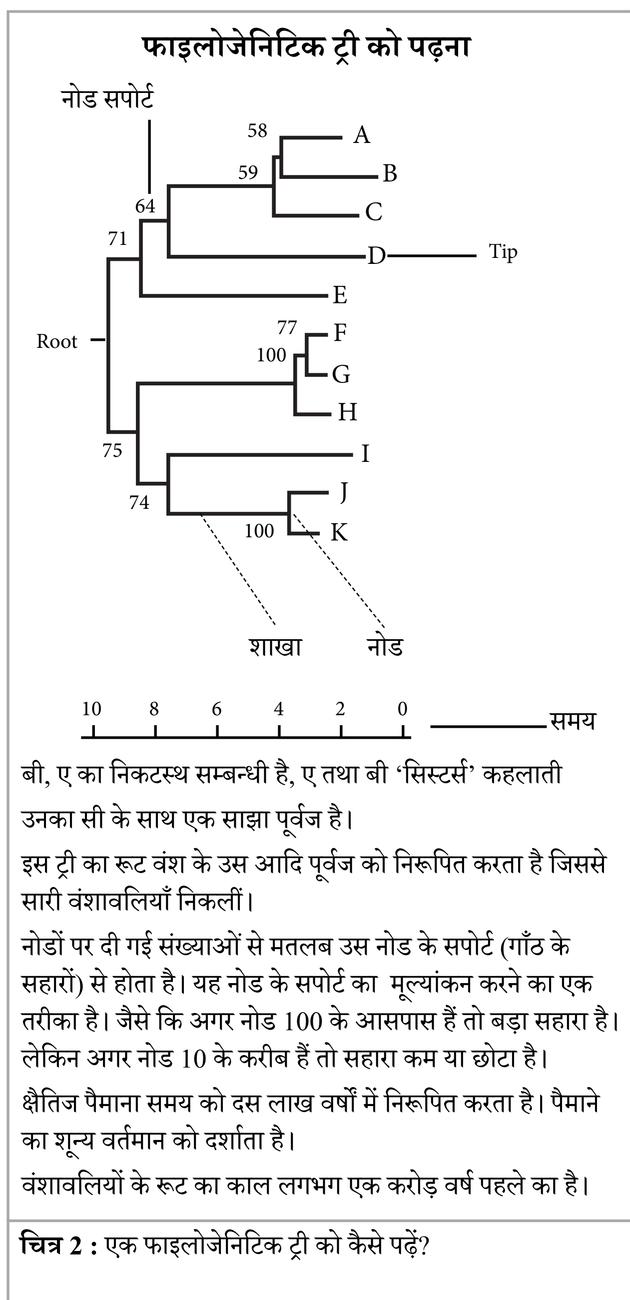
एक **वंशाणु (जीन)** डी.एन.ए. का एक ऐसा पथ (या क्षेत्र) होता है जो एक कार्यकारी आर.एन.ए या प्रोटीन उत्पाद को कूट संकेतों में निहित रखता (एनकोड करता) है, और वही आनुवांशिकता की आणविक इकाई होता है। किसी जीवरूप की सन्तानों को **वंशाणुओं** का प्रसारण ही फेनोटाइपिक ट्रेट्स (विशेषताओं) को उत्तराधिकार में पाने का आधार होता है।

दूर के सम्बन्धित टैक्सा के बीच की दूरी का मान अधिक होता है। इस जानकारी का उपयोग न केवल भिन्न-भिन्न प्रजातियों के बीच के सम्बन्धों को निर्मित करने के लिए किया जा सकता है, बल्कि यह समझने के लिए भी किया जा सकता है कि प्रजातियों की भिन्न-भिन्न आबादियाँ एक-दूसरे से किस तरह से सम्बन्धित हैं। क्या यह हमें मनुष्यों के विकास के बारे में कुछ बता सकता है?

एक फाइलोजेनेटिक ट्री को कैसे पढ़ें?

एक फाइलोजेनेटिक ट्री टैक्सा के बीच के सम्बन्ध का रेखाचित्र के रूप में निरूपण होता है (**चित्र 2**)। जिन प्रजातियों में नजदीकी सम्बन्ध होता है, वे ऐसे ट्री पर एक-दूसरे के ज्यादा नजदीक होती हैं, और वे आपस में कम शाखाओं द्वारा जुड़ी रहती हैं। हम इसे बेहतर ढंग से समझने के लिए एक फाइलोजेनेटिक ट्री को उसके हिस्सों में तोड़ करके देखें। जो पहली चीज हमारे ध्यान में आती है, वह इस फाइलोजेनेटिक ट्री की समग्र आकृति है - उस ट्री की शाखाओं की समग्र संरचना (पैटर्न) को उसकी 'टोपोलोजी' कहा जाता है। ट्री के आधार पर उसका 'मूल (रूट)' होता है। इस ट्री का रूट बनने के लिए एक बाह्य समूह (आउट-ग्रुप), अर्थात ऐसा समूह जो उस वंशावली के भीतर नहीं होता जिसकी पड़ताल की जा रही है, जरूरी होता है। यह बाह्य समूह एक ऐसा सन्दर्भ बिन्दु प्रदान करता है जो कि 'आन्तरिक समूह (इनग्रुप)' की प्रजातियों (जिनमें हमारी दिलचस्पी है) के बीच के सम्बन्धों को बेहतर ढंग से स्पष्ट करने में मदद कर सकता है। इस पेड़ के 'सिरों (टिप्स)' का आशय उन प्रजातियों से होता है जिनकी तुलना की जा रही हो, और वे अन्य सिरों से 'शाखाओं (ब्रांचेस)' के द्वारा जुड़ी रहती हैं। 'आन्तरिक गाँठों (इंटरनल नोड्स)' का आशय वे पूर्वज होते हैं जिनसे दो या अधिक वंशज प्रजातियाँ अलग-अलग दिशाओं में जाती हैं। ये गाँठे वे बिन्दु निरूपित करती हैं जहाँ दो प्रजातियों का कोई हाल का साझा पूर्वज था। उस पूर्वज से, दो नई प्रजातियाँ (या आम तौर पर वंशावलियाँ) पैदा होती हैं। इस प्रकार, गाँठे भी प्रजाति के विकास की अनुमानित घटनाओं को निरूपित करती हैं। जिन टैक्सा (सिरों) का कोई साझा पूर्वज होता है, वे एक-दूसरे की 'सिस्टर (बहिन)' कहलाती हैं।

उदाहरण के लिए, एक सामान्य देखने वाले को, हमारे वानर रिश्तेदार (प्राइमेट कजिंस) बोनोबो तथा चिम्पांजी, बहुत एक-से दिखते हैं। परन्तु, आनुवांशिक रूप से वे बहुत अलग-अलग हैं। एप (वानर) ट्री में (**चित्र 3**) मनुष्य, चिम्पांजी, बोनोबो, गोरिल्ला तथा ओरेंगउटांग सिरों को निरूपित करते हैं। सभी एपों का एक साझा पूर्वज था जिसने कि अन्य प्राइमेटों से अलग



बी, ए का निकटस्थ सम्बन्धी है, ए तथा बी 'सिस्टर्स' कहलाती उनका सी के साथ एक साझा पूर्वज है।

इस ट्री का रूट वंश के उस आदि पूर्वज को निरूपित करता है जिससे सारी वंशावलियाँ निकलीं।

नोडों पर दी गई संख्याओं से मतलब उस नोड के सपोर्ट (गाँठ के सहारों) से होता है। यह नोड के सपोर्ट का मूल्यांकन करने का एक तरीका है। जैसे कि अगर नोड 100 के आसपास हैं तो बड़ा सहारा है। लेकिन अगर नोड 10 के करीब हैं तो सहारा कम या छोटा है।

क्षैतिज पैमाना समय को दस लाख वर्षों में निरूपित करता है। पैमाने का शून्य वर्तमान को दर्शाता है।

वंशावलियों के रूट का काल लगभग एक करोड़ वर्ष पहले का है।

चित्र 2 : एक फाइलोजेनिटिक ट्री को कैसे पढ़ें?

दिशा बदली होगी। जहाँ चिम्पांजी और बोनोबो एक-दूसरे की सिस्टर्स हैं, मनुष्यों का भी उन दोनों के साथ एक साझा पूर्वज है। तो इस तरह से हम प्राइमेटों से सम्बन्धित हैं! मनुष्यों तथा प्राइमेटों के बीच का यह साझा पूर्वज कितने समय पहले अस्तित्व में था?

'जीवन के वृक्ष (ट्री ऑफ लाइफ)' पर उम्र का पता लगाना

एक फाइलोजेनेटिक ट्री न केवल हमें भिन्न-भिन्न टैक्सा के बीच के सम्बन्धों को पुनर्निर्मित करने की सुविधा देता है, बल्कि यह हमें, 'दिशा बदलने के समय का निर्धारण

(divergence dating)' कहलाने वाली एक विधि के माध्यम से कुछ विकासात्मक घटनाओं के घटित होने के समय का अनुमान लगाने की सुविधा भी देता है। दिशा बदलने के समय के निर्धारण की विधि एक आणविक घड़ी की अवधारणा (मालीक्यूलर क्लॉक हाइपोथेसिस) पर आधारित है जो यह सुझाती है कि समय के बीतने के साथ आनुवांशिक परिवर्तनों (म्यूटेशनों) का संचय किसी समान गति से होता है। दो प्रजातियों के वंशाणु समूहों के बीच बेस के अन्तरों की संख्या की गणना करने के द्वारा, हम जिस गति से ये अन्तर संचित हुए है उसके अपने ज्ञान का उपयोग उस समय का अनुमान लगाने के लिए कर सकते हैं जब वे दो वंशावलियाँ विभाजित होकर अलग-अलग हुईं। हालाँकि ऐसी कोई एक निर्धारित गति नहीं है जिस पर आनुवांशिक क्रम विकसित होते हैं, पर हम एक सांख्यिकीय वितरण (कह सकते हैं कि एक सामान्य वितरण) की तरह से उस गति का प्रतिरूप बना सकते हैं और दिशा बदलने के समय का अनुमान लगा सकते हैं [जीवन वृक्ष के पैमाने को निर्धारित करने (कैलीब्रेट) के लिए अक्सर जीवाश्मों का उपयोग किया जाता है क्योंकि वे एक क्लेड (पूर्वज + वंशज = क्लेड या वंश) के लिए एक स्वतंत्र सन्दर्भ आयु प्रदान करते हैं]।

दिशा बदलने के समय का निर्धारण करने के एक उदाहरण को प्राइमेट ट्री (**चित्र 3**) में देखा जा सकता है जो हमें दर्शाता है कि चिम्पांजी तथा मनुष्य लगभग 40-50 लाख साल पहले विभाजित होकर अलग-अलग हुए। इसका मतलब है कि ज्यादा सम्भावना इस बात की है कि मानव वंशावली, जिसमें से एकमात्र बची हुई प्रजाति *होमो सेपियंस* (भाषाई क्षमता वाला मानव वंश), लगभग 50 लाख साल पहले विकसित हुई होगी। जीवाश्म रिकार्ड भी इसकी पुष्टि करते हैं। वे भी हमें दर्शाते हैं कि हालाँकि *होमो* (मानव) की अनेक प्रजातियाँ 50 लाख साल पहले और अभी के बीच में विकसित हुईं, जिनमें *होमो निएण्डरथालेंसिस* भी शामिल थे, पर *होमो सेपियंस* को छोड़कर वे सभी विलुप्त हो गई हैं।

हमने प्राइमेटों के नक्शे के साथ जो किया है उसके दायरे को यदि हम विस्तृत कर पाते और समयों के निर्धारण को समाहित करते हुए एक ऐसा ट्री निर्मित कर पाते जो दिखाता कि किस तरह पृथ्वी पर ज्ञात समस्त प्रजातियाँ एक-दूसरे से जुड़ी हुई हैं तब क्या होता? आणविक जानकारियों की सहायता से, और सबसे अत्याधुनिक आनुवांशिक और गणनात्मक विधियों का उपयोग करते हुए, ठीक यही करना जीवन का वृक्ष कहलाने वाली एक परियोजना का लक्ष्य है। दिलचस्प बात यह है कि डारविन और बाद के विकासात्मक जीव वैज्ञानिकों ने सम्बन्धों को एक 'जीवन के वृक्ष' के रूप में देखा। किन्तु, क्षैतिज वंशाणु हस्तान्तरणों - जिनमें लम्बे समय पहले दिशाएँ बदली हुई प्रजातियों के बीच में आनुवांशिक सामग्री का लेन-देन निहित होता है - की हमारी समझ में हुई हाल की प्रगतियों ने इस बात की अधिकाधिक सम्भावना दर्शाई है कि समस्त जीवनरूप जीवन के संजाल (वैब ऑफ लाइफ) के विभिन्न परिदृश्यों के माध्यम से वास्तव में एक-दूसरे से सम्बन्धित हो सकते हैं। प्रोकार्योट्स (एक कोशिका वाले जीवरूप) के बारे में यह विशेष रूप से सत्य है।

क्या जीवन के वृक्ष को पूरा करने के लिए हमारे पास वे सभी जानकारियाँ हैं जिनकी हमें जरूरत है? हालाँकि पहले के किसी भी समय की अपेक्षा आज हमारे पास अनेक अन्य प्रजातियों

वंशावली (लीनिएज) : वंशावली को वंशजों की किसी भी निरन्तर धारा की तरह परिभाषित किया जाता है, अर्थात जीवरूपों की कोई भी ऐसी शृंखला जो माता-पिता के द्वारा किए गए सन्तानों के प्रजनन के माध्यम से जुड़ी हुई हो।

जीव प्रजाति का विकास (स्पीशिएशन) : स्पीशिएशन उस विकासात्मक प्रक्रिया को वर्णित करता है जिसके द्वारा आबादियाँ प्रजनन की प्रक्रिया द्वारा अलग-थलग होती जाती हैं, और इसके परिणामस्वरूप अन्ततः दो अलग-अलग प्रजातियाँ निर्मित हो जाती हैं। प्रजातियाँ अक्सर किसी साझा पूर्वज से दिशाएँ बदलकर अलग होती हैं। जब वे दिशाएँ बदलती हैं तो वे आनुवांशिक परिवर्तनों को संचित करती हैं, और अन्ततः अलग-थलग हो जाती हैं - अर्थात दो समूहों के सदस्य आपस में सफलता पूर्वक प्रजनन नहीं कर सकते। प्रजननात्मक रूप से एक-दूसरे से कट जाना, स्पीशिएशन के लिए एक आवश्यक शर्त मानी जाती है।

आनुवांशिक परिवर्तन (म्यूटेशन) : प्रत्येक बार जब एक कोशाणु अपनी प्रतिलिपि बनाता है, तब उसके सम्पूर्ण वंशाणु समूह की हूबहू नकल हो जाती है। कुछ मामलों में, नकल करने में कुछ त्रुटियाँ हो जाती हैं जिनके परिणामस्वरूप प्रतिलिपियों में त्रुटिपूर्ण न्यूक्लियोटाइड्स डाल दिए जाते हैं। वंशाणु समूह में होने वाले ऐसे परिवर्तनों को आनुवांशिक परिवर्तन कहा जाता है। आनुवांशिक परिवर्तन अक्सर उस अमीनो अम्ल को बदल सकते हैं जिसके लिए वे कूटलेखन (एनकोड) करते हैं, और इसके परिणामस्वरूप प्रोटीनों में परिवर्तित हो जाते हैं।

शरीर संरचना की दृष्टि से (मोरफोलोजिकली) चिम्पांजी और बोनोबो में भेद नहीं कर सकते, वे बहुत एक समान होते हैं।



चिम्पांजी (फोटो : थॉमस लेर्शक) बोनोबो (चित्र : यूएसएआईडी) छवियाँ विकीमीडिया कॉमन्स से।

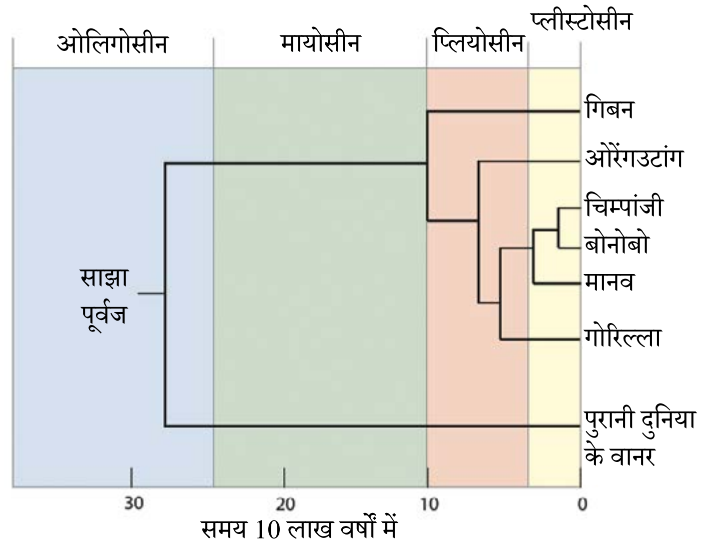
आनुवांशिक दृष्टि से उनमें अन्तर किया जा सकता है।

			*		*								*	*	*		
चिम्प	C	A	T	G	T	T	C	G	A	T	C	T	A	C	A	C	A
बोनोबो	C	A	T	G	T	T	C	G	A	T	C	T	A	C	G	C	A
गोरिल्ला	C	A	G	G	T	T	C	G	A	T	C	T	A	T	G	C	A
मनुष्य	C	A	G	G	A	T	C	G	A	T	C	T	G	T	C	C	A

*क्रमों के बीच में अन्तर दर्शाता है।

प्राइमेट्स का फाइलोजेनिटिक ट्री।

यह ट्री टैक्सा और वंशावलियों के बीच में दिशा बदलने की हुई घटनाओं के बीच के सम्बन्धों को निरूपित करता है।



चित्र 3 : हम प्राइमेटों के बीच में सम्बन्धों को किस प्रकार पुनर्निर्मित करते हैं?

के बारे में जानकारियाँ हैं, परन्तु हमें अभी भी ऐसी बहुत-सी नई प्रजातियों का पता चल रहा है जिनके बारे में हमें पहले कोई ज्ञान नहीं था। जिन प्रजातियों को हम जानते हैं उनमें भी बहुत-सी उष्णकटिबन्धों की हैं जिनके लिए हमारे पास कोई आनुवांशिक जानकारियाँ नहीं हैं।

हम जीवन के वृक्ष से क्या सीख सकते हैं? हो सकता है कि जीवन का वृक्ष त्रुटिपूर्ण हो, पर फिर भी उसके विस्तृत दायरे में हुए वंशावलियों के वितरण में हमें चौंकाने वाले अन्तर दिखाई दे सकते हैं। कुछ क्लेडों में वंशावलियों की अधिक विविधता है, जबकि हो सकता है कि कुछ अन्य क्लेडों का प्रतिनिधित्व केवल एक-एक प्रजाति ही करती हो। प्रजाति सम्पन्नता में इन अन्तरों का कारण अन्तर्निहित (जैविक) तथा बाह्य (ऐतिहासिक प्रभाव), दोनों ही हो सकते हैं। उदाहरण के लिए, छोटी

क्लेड : इसकी उत्पत्ति ग्रीक शब्द “क्लाडोस” से हुई जिसका अर्थ शाखा या टहनी होता है। क्लेड एक मोनोफाइलेटिक टैक्सोन अर्थात जीवरूपों का ऐसा समूह होता है जिसमें उसके सभी सदस्यों का सबसे हाल का साझा पूर्वज और उसके सभी वंशज शामिल रहते हैं।

प्रोकार्योट्स : एक कोशाणु वाले जीवरूप जिनमें नाभिक (न्यूक्लियस) तथा झिल्ली से बँधे अन्य कोशाणुओं के अंग (ओर्गेनेलेज) नहीं होते।

स्तनपायी वंशावलियाँ - जिनमें रोडेंट (कुतरने वाले चूहे, मूस, आदि) तथा काईरोप्टेरा (चमगादड़) शामिल हैं - सबसे समृद्ध स्तनपायी वंशावलियों में से हैं। यह शायद उनके शरीर के छोटे आकार और उनकी उच्च प्रजनन दरों का परिणाम है। इसके साथ ही, किन्हीं खास ऐतिहासिक कारकों के परिणामस्वरूप भी कुछ समूहों में तेज विकास और स्पीशिएशन (अलग प्रजातियों का बनना) घटित हुआ हो सकता है। उदाहरण के लिए, ऐसा माना जाता है कि ओलिगोसीन (आदिनूतन युग - 350 लाख साल पहले) में चारागाहों के प्रसार के फलस्वरूप ऊँचे खूँट के दाँतों वाली (हिप्सोडोंटी) प्रजातियों का विकास हुआ और हिप्सोडोंटी दर्शाने वाले जानवरों की विविधता में भी वृद्धि हुई।

इस प्रकार विकासात्मक घटनाओं के क्रम (फाइलोजिनीज) न केवल सम्बन्धों को पुनर्निर्मित करने में हमारी मदद करते हैं, बल्कि वे हमें उन प्रक्रियाओं की खोजबीन करने की सुविधा भी देते हैं जिनके द्वारा जैव विविधता का संचय होता है। **चित्र 4** में, हम देख सकते हैं कि कुछ क्लेड अन्य क्लेडों की अपेक्षा अधिक विविधतापूर्ण (ज्यादा प्रजातियों वाले) होते हैं और कुछ क्लेड अन्य क्लेडों की तुलना में काफी कम आयु वाले होते हैं। विविधता निर्मित होने की प्रक्रियाओं (स्पीशिएशन अर्थात नई प्रजातियों के बनने तथा एक्सटिंक्शन अर्थात प्रजातियों के विलुप्त होने) की दरों में स्थानिक तथा सामयिक अन्तरों का अध्ययन करने से हमें यह समझने में मदद मिलती है कि जैव विविधता किस प्रकार विकसित होती है। हालाँकि, हमने

अभी भी पृथ्वी पर जीवन के बहुसंख्यक रूपों के विकासात्मक इतिहास का खाका नहीं बनाया है, परन्तु वंशाणुओं के समूह सम्बन्धी जानकारियों में हुई विस्फोटात्मक प्रगति ने अब हमें विविधता को खोज निकालने और उसका मूल्यांकन करने की बहुत अधिक शक्ति प्रदान की है। अब एक समय पर केवल कुछ वंशाणुओं पर ध्यान केन्द्रित करने के बजाय, हम किसी प्रजाति के लगभग पूरे वंशाणु समूह को ही देख सकते हैं। यह हमें प्रजातियों के आनुवांशिक इतिहास की खोजबीन करने की अभूतपूर्व पहुँच देता है, क्योंकि यह हमें उन ऐतिहासिक कारकों को खोज निकालने की सुविधा देता है जो किसी प्रजाति या उसके सदस्य को, अतीत से लेकर वर्तमान तक के समय के सभी पैमानों पर, आकार देते हैं। अब ऐसी जानकारियों से फाइलोजिनीज निर्मित करने की विभिन्न प्रकार की विधियाँ विकसित की जा रही हैं, हालाँकि वे अभी अपने शैशवकाल में ही हैं।

प्रजातियों के भीतर के पैटर्नों के बारे में क्या कहा जा सकता है?

भारत में कहीं भी किसी बस डिपो पर खड़े हो जाइए, आप लोगों की विविधता देख सकते हैं। वैश्विक विविधता के लिए भारत एक लघु रूप प्रस्तुत करता है। पूरे संसार को लें तो उसमें मनुष्य जाति के भीतर - बाल, त्वचा के रंग, चेहरे का ढाँचा तथा शरीर संरचना के अन्य हिस्सों की दृष्टि से - जबर्दस्त विविधता मौजूद है। किन्तु हम ठीक-ठीक अर्थों में कितने अलग-अलग या विविधतापूर्ण हैं।

ऊपर से बहुत साफ नजर आने वाली शरीर की संरचनात्मक विविधता के बावजूद, विभिन्न आबादियों के बीच में मनुष्यों में चिम्पांजियों की तुलना में बहुत कम आनुवांशिक विविधता पाई जाती है! परन्तु, मनुष्यों की आबादियों के आनुवांशिक परिवर्तनों में कुछ स्पष्ट भौगोलिक पैटर्न पाए जाते हैं। **यह अध्ययन कि किसी प्रजाति के भीतर (और घनिष्ठ रूप से**

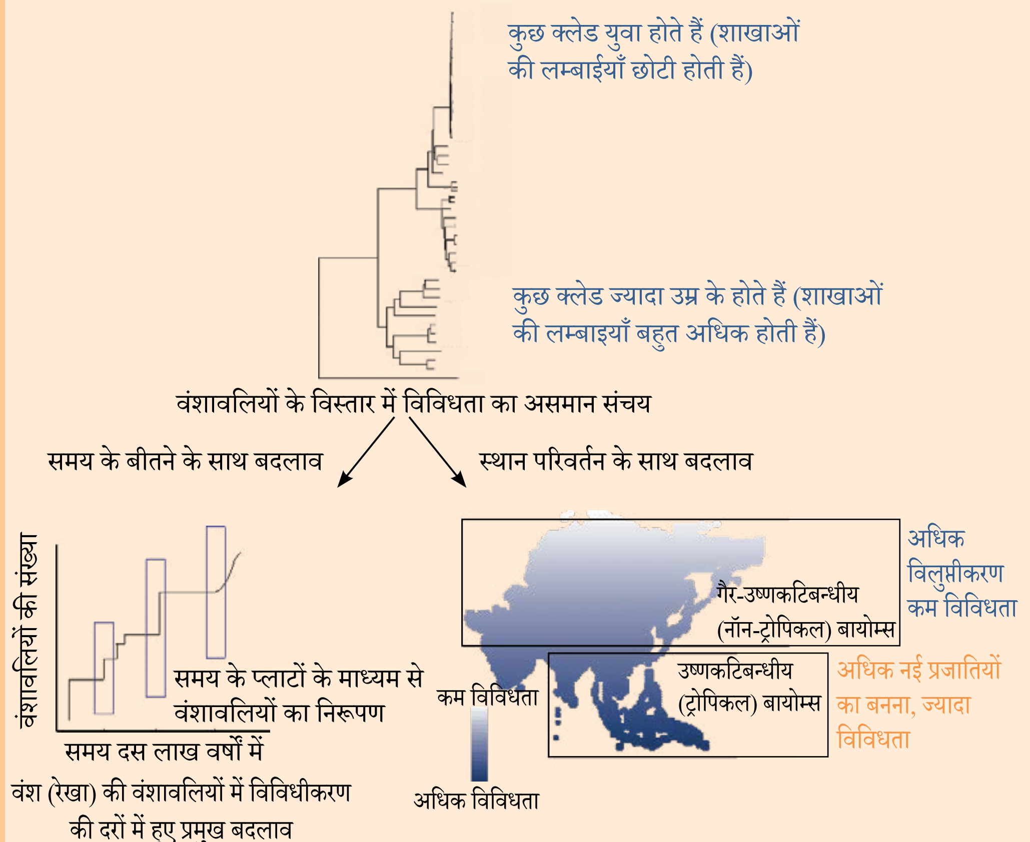
फाइलोजिनीज का उपयोग करते हुए पृथ्वी पर जीवन के इतिहास को पुनर्निर्मित करना

विविधता अन्ततः नई प्रजाति के बनने और विलुप्त होने के द्वारा निर्धारित होती है। सभी क्लेडों में नई प्रजाति के बनने और विलुप्त होने की दरें एक समान नहीं होतीं।

नई प्रजाति के बनने और विलुप्त होने की दरें स्थान और समय के विस्तृत दायरे में भी बदलती हैं, और ये मिलकर निर्धारित करते हैं कि प्रजातियों की विविधता किस प्रकार संचित होती है।

कभी-कभी समय बीतने के साथ दरें परिवर्तित होती हैं, और कुछ कालों में प्रजातियों की संख्या में घातांकी (एक्सपोनेंशियल या अत्यधिक गुना) वृद्धि होती है। इसे समय के प्लाट (ग्राफ) के माध्यम से किसी वंशावली में देखा जा सकता है।

कभी-कभी कुछ क्षेत्रों का सम्बन्ध अधिक नई प्रजातियों के बनने की दरों से होता है जिसके परिणामस्वरूप ज्यादा विविधता पैदा होती है। उदाहरण के लिए, उष्णकटिबन्धीय क्षेत्रों में।



चित्र 4 : हम फाइलोजिनीज का उपयोग करके पृथ्वी पर जीवन के इतिहास को पुनर्निर्मित कर सकते हैं।

सम्बन्धित प्रजातियों के दायरे में) आनुवांशिक परिवर्तन किस तरह से भौगोलिक स्थान के विस्तार में खण्डों में बँटा रहता है, फाइलोजियोग्राफी के क्षेत्र का मुख्य केन्द्रीय विषय होता है। विभिन्न आबादियों के बीच इस आनुवांशिक विविधता की तुलना हमें इन आबादियों के बारे में अनोखी अन्तर्दृष्टियाँ प्रदान करती है।

उदाहरण के लिए, विभिन्न मानव आबादियों की आनुवांशिक विविधता की तुलना दर्शाती है कि अफ्रीकी आबादियाँ न केवल सबसे अधिक आनुवांशिक विविधता वाली हैं, बल्कि सभी अन्य मानव आबादियों की आनुवांशिक विविधता का समूह भी इस अफ्रीकी विविधता का उप-समूह है। इसके परिणामस्वरूप हम इस निष्कर्ष पर पहुँचे हैं कि शरीर रचना की दृष्टि से आधुनिक मनुष्य (*होमो सेपियंस*) की उत्पत्ति अफ्रीका में हुई, और फिर उसने वहाँ से फैलते हुए शेष संसार में बस्तियाँ बसाईं। यह ऐतिहासिक फैलाव (और उसके बाद में हुए सभी विस्तार) आनुवांशिक विविधता के भौगोलिक वितरण के पैटर्नों में दर्ज हैं। और यह केवल स्थानान्तरणों (माइग्रेशन्स) की ही बात नहीं है - हमारे इतिहास की हर आबादी-सम्बन्धी घटना, चाहे वह आबादी का बढ़ना या कम होना हो, ने हमारी आनुवांशिक विविधता पर अपनी छाप छोड़ी है। जैसा कि आप देख सकते हैं, आनुवांशिक विविधता के खण्डों में बँटने के आधार पर बहुत कुछ कहा जा सकता है!

एक अन्य उदाहरण में, हाल के एक अध्ययन ने दक्षिणी, पश्चिमी और मध्य भारत में बाघों की विभिन्न आबादियों की आनुवांशिक विविधता का अनुमान लगाने का प्रयास किया। संसार में जंगली बाघों की सबसे अधिक संख्या भारत में ही है, जो अब देश भर के जंगलों के कुछ विशेष क्षेत्रों तक सीमित कर दी गई है। साझी और अनोखी आनुवांशिक विविधता के विश्लेषण के आधार पर, वैज्ञानिकों ने भारत की विभिन्न बाघ आबादियों के बीच में हुए वंशाणु प्रवाह का परिमाणीकरण करने में सफलता पाई (यह आबादियों के विस्तृत दायरे में माइग्रेशन या सदस्यों के स्थानान्तरण का अध्ययन करने की एवजी तरकीब थी)। साथ ही वे यह पता लगा सके कि क्या प्रत्येक आबादी के डेमोग्राफिक इतिहासों में कोई परिवर्तन हुआ था या नहीं। इस अध्ययन ने दर्शाया कि दूर नहीं बल्कि सिर्फ 200 साल पहले बाघों की आबादी में कमी आई थी (शायद यह ब्रिटिश राज के दौरान इनाम के लिए बाघों के शिकार के चलन के कारण हुई हो)। इस प्रकार, फाइलोजिनी की ही तरह से, हम आबादियों में होने वाली घटनाओं (आबादी की वृद्धि या उसका तेजी से कम हो जाना अर्थात क्रैश होना आदि) के समय का भी अनुमान लगा सकते हैं।

अतीत की घटनाओं का हम जिस विश्वास के साथ अनुमान लगा सकते हैं उसे साथ-साथ बढ़ने के सिद्धान्त (coalescent theory) के विकास से खास तौर पर सहारा

वंशाणु प्रवाह (Gene flow) : जब किन्हीं आबादियों के बीच में व्यक्तिगत इकाइयों का स्थानान्तरण (माइग्रेशन) होता है, तो वे अपने साथ किसी ऐसे आनुवांशिक भेद, जो उनकी आबादी में अनोखा हो सकता है, को भी अपने साथ नई आबादी में ले जाते हैं। इस तरह स्थानान्तरण के परिणामस्वरूप आनुवांशिक भेदों का मिश्रण होता है, और यह आबादियों को बहुत भिन्न होने से रोकता है। इसलिए इसे वंशाणु प्रवाह कहते हैं।

ऐलेलेस : किसी वंशाणु के भेदों वाले स्वरूप। प्रत्येक मनुष्य में प्रत्येक वंशाणु दो प्रतिलिपियों में होता है। यदि दोनों प्रतिलिपियाँ हूबहू एक-सी होती हैं, तब वह व्यक्ति होमोजिगस होता है, और यदि वे भिन्न होती हैं तो वह हेटरोजिगस होता है। किसी भी व्यक्ति में वंशाणु के केवल दो ऐलेले तक ही हो सकते हैं, जबकि किसी आबादी में बहु-ऐलेले हो सकते हैं।

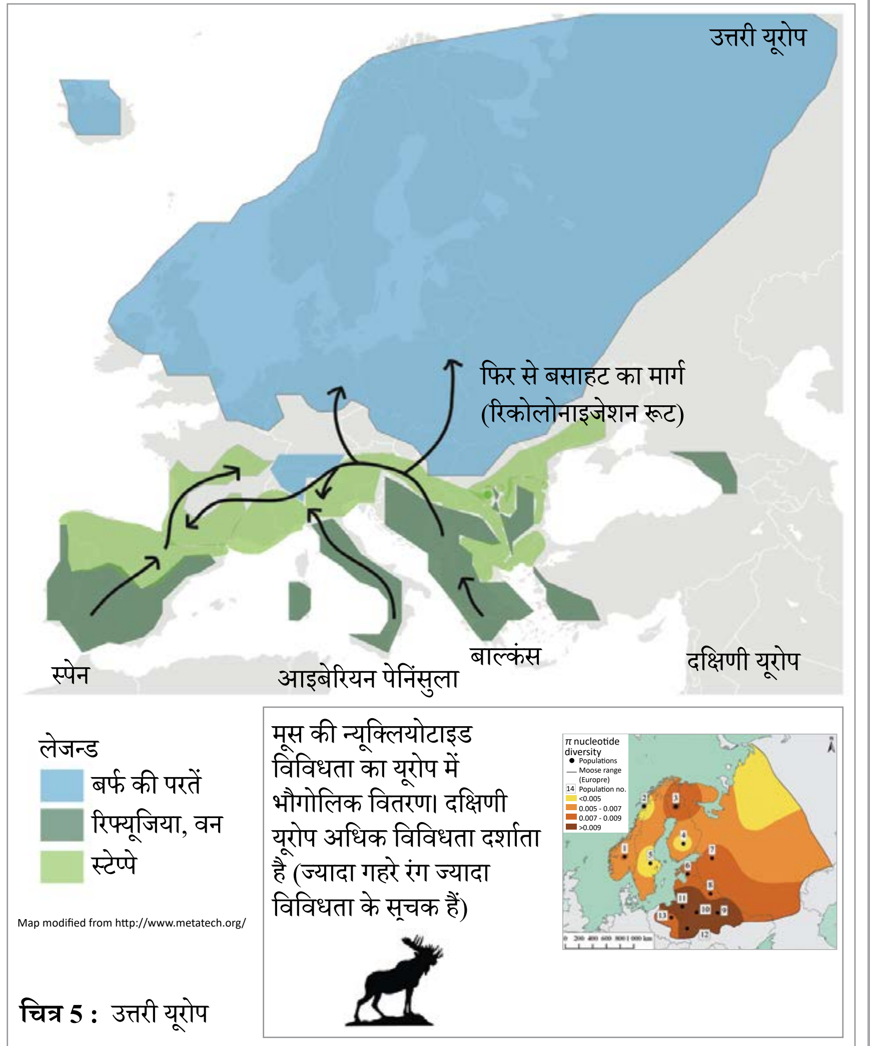
मिटोकोण्ड्रियल डी.एन.ए. : मिटोकोण्ड्रियन एक कोशाणु का अंग (ऑरगेनेल) होता है जो यूकार्योटिक कोशाणु के भीतर पाया जाता है। इनके अपने खुद के छोटे वंशाणु समूह होते हैं जो कुछ ऐसे प्रोटीनों के लिए कूटलेखन (कोड) करते हैं जिनका उपयोग मिटोकोण्ड्रियन के भीतर होता है। यह डी.एन.ए. मिटोकोण्ड्रियल डी.एन.ए. कहलाता है, और यह केवल स्त्री या माँ के माध्यम से ही विरासत में प्राप्त किया जाता है (क्योंकि वीर्य या स्पर्म में तब मिटोकोण्ड्रिया नहीं होता जब वह अण्डे या एग के साथ जुड़ता है)।

साइटोक्रोम बी : एक ऐसा वंशाणु जो मिटोकोण्ड्रियल वंशाणु समूह में स्थित होता है, और वह एक ऐसे प्रोटीन के लिए कूटलेखन करता है जो कि आक्सीजन की उपस्थिति वाले मार्ग (ऑक्सीडेटिव पाथवे) का महत्वपूर्ण हिस्सा होता है।

सिंगल न्यूक्लियोटाइड पोलीमोरफिज्म्स (एसएनपी’एस) : दो व्यक्तियों के बीच में न्यूक्लियोटाइडों में प्रत्येक अन्तर एक एसएनपी होता है। यह किन्हीं भी दो वंशाणु समूहों के बीच में सबसे आम तरह का अन्तर होता है।

यूरोप में फाइलोजेनेटिक पैटर्न

बीते हुए 24 लाख वर्षों में, समशीतोष्ण क्षेत्र के अधिकांश हिस्से में बर्फ की मोटी परतों में नियमित दरों पर विस्तार या सिकुड़ना घटित होता रहा है, जिसके परिणामस्वरूप जैविक सम्पदा का वितरण भी वैश्विक स्तर पर प्रभावित होता रहा है। विशेष रूप से यूरोप में, बर्फ की परतों ने उत्तरी महाद्वीपों के अधिकांश भाग को आच्छादित किया हुआ था। इसके फलस्वरूप प्रजातियाँ दक्षिण के गैर-बर्फीले क्षेत्रों तक ही सीमित रहीं, और वे बाद में उत्तरी यूरोप में तब बस पाईं जब बर्फ की परतें पिघल गईं। इसका अनुमान सारे यूरोप में, आबादियों के वंशाणु समूहों और आनुवांशिक विविधताओं का अध्ययन करके लगाया गया। इस अध्ययन में उत्तरी यूरोप की तुलना में, आइबेरियन पेनिंसुला, स्पेन और बाल्कंस क्षेत्रों में विशेष रूप से अधिक आनुवांशिक विविधता पाई गई। यह सुझाता है कि इनमें से अनेक प्रजातियों के लिए दक्षिणी यूरोप ने बर्फ से शरण पाने के स्थलों की तरह काम किया (**चित्र 5**)। इस प्रकार, भौगोलिक दायरे और आबादियों के सिकुड़ने और फैलने के प्रजातियों की विभिन्न आबादियों की आनुवांशिक विविधता के लिए बहुत से परिणाम हुए।



चित्र 5 : उत्तरी यूरोप

मिला है। यह सिद्धान्त किसी आबादी में समसामयिक ऐलेने आवृत्तियों (distribution of alleles) का उस आबादी के जनसांख्यिकीय इतिहास से सम्बन्ध स्थापित करती है, और इसे 'आनुवांशिक वंशावलियों (gene-genealogies)' को निर्मित करने के लिए इस्तेमाल किया जाता है। एक सरल उपमा दें तो, ये आनुवांशिक वंशावलियाँ पारिवारिक इतिहासों तथा पशुओं की नस्लों के विवरण जैसे होती हैं, सिवाय इसके कि ये वंशाणुओं तथा ऐलेलेस के पैमाने पर होते हैं। कई तरह से, यह उसके ही समानान्तर प्रक्रिया है जिस तरह से फाइलोजेनेटिक्स काम करती है, सिवाय इसके कि आनुवांशिक वंशावलियाँ केवल उन ऐलेले आवृत्तियों तक सीमित रहती हैं जो आबादी में वृद्धि या कमी से प्रभावित होती हैं। किसी आबादी में ऐलेलेस के इतिहास का मानचित्रीकरण करके, हम अन्य बातों के साथ ही यह भी समझ सकते हैं कि समय बीतने के साथ आबादियाँ उनके आकार में बढ़त या घटत दर्शाती हैं या नहीं।

प्रजातियों के डेमोग्राफिक (आबादी की वृद्धि और कमी सम्बन्धी) इतिहास तथा स्थानान्तरण के पैटर्नों का अध्ययन प्रारम्भ में साइटोक्रोम बी या मिटोकोण्ड्रियल डी.एन.ए. हैपोलाइट्स (विभिन्न डी.एन.ए. भेदों का एक समूह जिसकी प्रवृत्ति विरासत में एक साथ मिलने की होती है) के भौगोलिक वितरण के माध्यम से किया गया। ये प्रारम्भिक अध्ययन वंशाणु समूह के छोटे-छोटे हिस्सों को लक्ष्य बनाने वाले एक या कुछ आणविक चिन्हकों (molecular markers) पर आधारित थे। इससे वह स्पष्टता और बारीक जानकारियाँ सीमित हो जाती थीं जिनके उपलब्ध होने पर हम आबादी का छोटे खण्डों में बँटना और वंशाणु प्रवाह को समझ सकते थे। इसके अलावा, एक महत्त्वपूर्ण वंशाणु होने के कारण, साइटोक्रोम बी, आनुवांशिक परिवर्तनों की कम दरें दर्शाता है। बाद में, अनेक अन्य पथों के आधार पर, माइक्रोसैटेलाइट (आणविक) डाटा के इस्तेमाल ने इन पैटर्नों को पहचानने के लिए ज्यादा शक्तिशाली तरीके प्रदान किए। माइक्रोसैटेलाइट्स, वंशाणु समूह के ऐसे क्षेत्र होते हैं जो न्यूक्लियोटाइड इकाइयों के दोहराए जाने की विशेषता

बहुत हद तक दर्शाते हैं। अपने आणुवांशिक संघटन के कारण, साइटोक्रोम बी या अन्य वंशाणुओं की तुलना में, उनकी प्रवृत्ति बहुत ज्यादा दरों पर आणुवांशिक परिवर्तनों को करने की होती है। इससे उनको अपेक्षाकृत कम अवधियों में तेजी से आनुवांशिक परिवर्तनों का संचय करने की सुविधा मिल जाती है, और उससे हमें भी ज्यादा हाल ही में हुए आबादियों के तथा डेमोग्राफिक पैटर्नों की एक झलक मिल जाती है। आज, आनुवांशिक विधियों में हुई प्रगतियों, खास तौर पर जिनका सम्बन्ध जीनोमिक डाटा और उसके विश्लेषणों से है (जिसमें single nucleotide polymorphisms शामिल है), की बदौलत हमारे पास डैमोग्राफिक इतिहास को देख पाने की ज्यादा शक्ति मौजूद है। जीनोमिक डाटा के उपलब्ध होने से हम वंशाणु समूह के कहीं ज्यादा हिस्सों तक पहुँच सकते हैं और अपेक्षाकृत ज्यादा हाल ही में हुई घटनाओं के हस्ताक्षरों को प्राप्त कर सकते हैं। इतना ही नहीं, क्रम निर्धारित करने (सीक्वेंसिंग) की लागतों के कम हो जाने तथा कम्प्यूटिंग तकनीकों में हुई प्रगतियों के कारण जेनेटिक डाटा तक हमारी पहुँच भी बहुत बढ़ गई है।

निष्कर्ष

डी.एन.ए. इतिहास का एक उत्कृष्ट कोष है। वंशावलियों और आबादियों के इस इतिहास को पढ़ने और उसकी व्याख्या करने में फाइलोजेनिटिक्स तथा फाइलोजियोग्राफी हमारी सहायता करती हैं। दूसरे शब्दों में वे हमें प्राकृतिक इतिहास के 'इतिहास' के टुकड़ों को इकट्ठा करके पुनर्निर्मित करने में हमारी मदद करती हैं। परन्तु, हम समय में पीछे लौटकर वास्तव में अपने पूर्वजों को नहीं देख सकते, और न ही जिन फाइलोजेनेटिक ट्रीज को हम बनाते हैं या जिन डेमोग्राफिक इतिहासों को हम निर्मित करते हैं, उनकी हम पुष्टि कर सकते हैं। इसलिए, प्रत्येक फाइलोजेनेटिक ट्री तथा आनुवांशिक वंशावलियों को टैक्सा और शाखाओं के बँटने के पैटर्न के बीच के सम्बन्धों के बारे में एक परिकल्पना की तरह ही देखा जाता है। यही कारण है कि फाइलोजेनेटिक ट्रीज में बेहतर या और नई जानकारियों के फलस्वरूप परिवर्तन हो सकते हैं।

आज, हमें उपलब्ध जेनेटिक उपकरणों ने हमें वंशावलियों, प्रजातियों तथा आबादियों के इतिहास के बारे में अभूतपूर्व पहुँच और समझ प्रदान की है। डी.एन.ए. पर आधारित फाइलोजेनेटिक तथा फाइलोजियोग्राफिक पद्धतियों ने प्राकृतिक संसार के बारे में तथा जो प्रक्रियाएँ प्राकृतिक पैटर्नों को पैदा करती हैं उनके बारे में हमारी समझ में क्रान्ति ला दी है। जहाँ बहुत कुछ हमारे लिए अभी भी अज्ञात है, वहीं बेहतर तकनीकों के चलते हम और अधिक जान सकने की आशा कर सकते हैं!

References

1. Gregory, R.T. (2008). Understanding evolutionary trees. *Evo Edu Outreach*, 1, 121-137
2. Rolland, J. (2014). Faster speciation and reduced extinction in the tropics contribute to the mammalian latitudinal diversity gradient. *Plos Biology*
3. Hickerson MJ et al. (2010). Phylogeography's past, present and future: 10 years after Avise, 2000. *Mol Phylogenet Evol*, 54(1): 291-301.
4. Hewitt, G. (2000). The genetic legacy of the quaternary ice ages. *Nature*, 405
5. Henn, B et al. (2015). Distance from sub-Saharan Africa predicts mutational load in diverse human genomes. *PNAS*
6. Mondol, S et al. (2013). Demographic loss, genetic structure and conservation implications for Indian tigers. *Proceedings of the Royal Society B*.
7. Understanding Evolution. (2016). University of California Museum of Paleontology. 22 December 2015 <http://evolution.berkeley.edu/>
8. Maddison, D. R. and K.-S. Schulz (eds.). (2007). The Tree of Life Web Project. Internet address: http://tolweb.org
9. Baldauf, SL. (2003). Phylogeny for the faint of heart: a tutorial. *Trends in Genetics*, 19(6), 345-51.

कृष्णप्रिया तम्मा ने नेशनल सेंटर फॉर बायोलोजिकल साइंसेज, टीआईएफआर बेंगलूरु से अपनी पीएच.डी. पूरी की। उनकी दिलचस्पी प्रजातियों के वितरणों के बड़े पैमाने पर हुए पैटर्नों में तथा उनको प्रभावित करने वाले कारकों में है। उनकी पीएच.डी. का कार्य हिमालय के क्षेत्रों में छोटे स्तनपाइयों के बायोजियोग्राफिक पैटर्नों की पड़ताल करने पर केन्द्रित था। उनसे priya.tamma@gmail.com पर सम्पर्क किया जा सकता है। **अनुवाद :** सत्येन्द्र त्रिपाठी

Published by Azim Premji Foundation for Development, Pixel 'B', PES college of Engineering Campus, Electronics City, Bengaluru - 560100
Printed by SCPL, Bengaluru - 560062. Editor: Ramgopal Vallath